

## DETECCIÓN DE ESPECIES DE *BANANA STREAK VIRUS* (BSV) EN CULTIVOS DE BANANO Y PLATANO EN CUBA

Elisa Javer-Higginson<sup>1</sup>, Pierre Yves-Teycheney<sup>2</sup>, Ana Lidia Echemendía-Gómez<sup>1</sup>, Caridad Font-Díaz<sup>1</sup>, Idilio Quiala-Rodríguez<sup>1</sup>, María del Loreto Reyes-Garriga<sup>3</sup>, Caridad Daquinta-Rico<sup>4</sup>, María Acela-Fonseca<sup>5</sup>, Neyda Arencibia-Gámez<sup>6</sup>, Gloria A. González-Arias<sup>1</sup>.

[ejaver@inisav.cu](mailto:ejaver@inisav.cu); Teléfono 2022517

<sup>1</sup> Instituto de Investigaciones de Sanidad vegetal (INISAV), Calle 110 entre 5taB y 5taF No. 514. Miramar. Playa

<sup>2</sup> Centro de Cooperación Internacional en Investigaciones Agronómicas para el Desarrollo (CIRAD), Capesterre Belle-Eau, Guadeloupe, FWI, France.

<sup>3</sup> Laboratorio Provincial de Sanidad Vegetal, Cienfuegos

<sup>4</sup> Laboratorio Provincial de Sanidad Vegetal, Ciego de Ávila

<sup>5</sup> Laboratorio Provincial de Sanidad Vegetal, Granma

<sup>6</sup> Laboratorio Provincial de Sanidad Vegetal, Santiago de Cuba

Los plátanos y bananos constituyen fuentes importantes de alimentos para millones de personas en todo el mundo. En Cuba las áreas destinadas a estos cultivos ocupan una superficie de alrededor de 101 000 ha, en su mayoría plantaciones de híbridos interéspecíficos (AAB, ABB, AAAB), los que con frecuencia se muestran infectados por *Banana streak virus* (BSV). Con el objetivo de determinar la diversidad genética de este virus en Cuba así como de algunos aspectos relacionados con la epidemiología de la enfermedad, se realizó un estudio de la prevalencia de BSV en diferentes variedades, a través de la reacción en cadena de la polimerasa con inmunocaptura y combinación de iniciadores (Multiplex IC-PCR). Para ello, se realizaron colectas de muestras sintomáticas o carentes de síntomas de BSV, de variedades pertenecientes a los grupos genómicos AAB, ABB, AAAB, AABB, AAAA, y AAA; en las provincias de Pinar del Río, La Habana, Cienfuegos, Ciego de Ávila, Granma y Santiago de Cuba. La utilización de cebadores específicos en la reacción de PCR, permitió la detección de secuencias episomales de las cuatro especies mas importantes de BSV (BSMysV, BSImV, BSGFV y BSOLV). La especie BSGFV resultó ser la más frecuente y apareció provocando infecciones episomales simples o mixtas con BSOLV y BSImV en los híbridos FHIA 21, FHIA 18 y FHIA25.